



TITLE:

巨大DNAウイルスゲノムの解析

AUTHOR(S):

緒方, 博之

CITATION:

緒方, 博之. 巨大DNAウイルスゲノムの解析. 京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステム研究成果報告書 2016, 2015: 16-17

ISSUE DATE:

2016-03

URL:

<http://hdl.handle.net/2433/214399>

RIGHT:

巨大 DNA ウイルスゲノムの解析
Genomics of giant DNA viruses

京都大学化学研究所化学生命科学研究領域 緒方 博之

研究成果概要

本研究では、京都大学化学研究所スーパーコンピュータシステムを利用して、巨大 DNA ウイルスゲノムおよびウイルスゲノムの解析・関連ツール開発を行った。具体的には(1)メガウイルス科の多様性をメタゲノムデータに基づき定量的に行った(三原知子他、論文執筆中)、(2)京都大学農学研究科との共同研究により、大阪湾および *Tara Oceans* メタゲノムデータを利用して、1300 のウイルスゲノムを決定した(西村陽介他、論文投稿中)、(3)メガウイルス科の DNA 複製酵素遺伝子の解析を行った(ロマン・マチュー＝ブラン他、論文投稿中)、(4)農学研究科との共同でメガウイルス科の DNA ポリメラーゼ遺伝子を標的とするプライマーの作成を行った(Hingamp 他)、(5)広島大学との共同で *Ralstonia* フェージのゲノム解析を行った(三原知子他、論文投稿中)、(6)メタゲノムデータ MGENES の整備を行った(五斗進他、公開済)、(7)ウイルスーホストデータベースを開発した(三原知子他、論文受理)、(8)レトロウイルスやレトロトランスポゾンの頻度解析を *Tara Oceans* メタゲノム・メタトランスクリプトームデータを用いて解析した(Lescot 他、論文発表済)、(9)細胞性生物とウイルス遺伝子の多様性比較(隈部彰彦他)を行った。ウイルス関連以外の研究では、(10)脊椎動物における免疫系遺伝子の解析(吉川元貴他)、(11)植物の転写制御配列の解析(西山拓輝他)、(12)エパクレオンの腸内細菌に対する影響の評価(西山拓輝他)、(13)KEGG オーソロググループのプロファイル生成(五斗進他)を行った。

発表論文(謝辞あり)

1. Mihara T., Nishimura Y., Shimizu Y., Nishiyama H., Yoshikawa G., Uehara H., Hingamp P., Goto S, Ogata H. Linking virus genomes with host taxonomy. **Viruses** (2016). [Accepted]

発表論文(謝辞なし)

1. Guidi L., et al. Plankton networks driving carbon export in the oligotrophic ocean. **Nature**, doi:10.1038/nature16942., (2016).
2. Gallot-Lavallee L., et al. The 474-kilobase-pair complete genome sequence of CeV-01B, a virus infecting Haptolina (Chrysochromulina) ericina (Prymnesiophyceae). **Genome Announc.**, 3, e01413-15 (2015).
3. Lescot M., et al. Reverse transcriptase genes are highly abundant and transcriptionally active in marine plankton assemblages. **ISME J.**, doi:10.1038/ismej.2015.192. (2015).
4. Massana R., et al. Marine protist diversity in European coastal waters and sediments as

- revealed by high-throughput sequencing. **Environ. Microbiol.**, 17, 4035-4049 (2015).
5. Clerissi C., et al. Deep sequencing of amplified Prasinovirus and host green algal genes from an Indian Ocean transect reveals interacting trophic dependencies and new genotypes. **Environ. Microbiol. Rep.**, doi:10.1111/1758-2229.12345. (2015).
 6. Halima N.B., et al. Identification of a new oat beta-amylase by functional proteomics.
 7. **Biochim. Biophys. Acta**, (2015)
 8. Kopf A., et al. The ocean sampling day consortium. **GigaScience**, 4, 27 (2015).
 9. Takemura M., et al. Evolution of eukaryotic DNA polymerases via interaction between cells and large DNA viruses. **J. Mol. Evol.**, 81, 24-33 (2015).
 10. Pesant S., et al. Open science resources for the discovery and analysis of Tara Oceans data. **Sci. Data**, 2, 150023 (2015).
 11. Sunagawa S., et al. Structure and function of the global ocean microbiome. **Science**, 348, 1261359 (2015).
 12. de Vargas C., et al. Eukaryotic plankton diversity in the sunlit ocean. **Science**, 348, 1261605 (2015).
 13. Lima-Mendez G., et al. Determinants of community structure in the global plankton interactome. **Science**, 348, 1262073 (2015).
 14. Villar E., et al. Environmental characteristics of Agulhas rings affect interocean plankton transport. **Science**, 348, 1261447 (2015).
 15. Brum J.R., et al. Patterns and ecological drivers of ocean viral communities. **Science**, 348, 1261498 (2015).
 16. Johannessen T.V., et al. Characterisation of four novel viruses reveal huge diversity among viruses infecting Prymnesiales (Haptophyta). **Virology**, 476, 180-188 (2015).
 17. von Dassow P., et al. Life cycle modification in open oceans accounts for genome variability in a cosmopolitan phytoplankton. **ISME J.**, 9(6), 1365-1377 (2015).